

РОЛЬ МУТАЦИОННОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ В АДАПТАЦИОННОЙ СИСТЕМЕ В СЕЛЕКЦИИ ЯЧМЕНЯ

И.А. Епишко

НПЦ НАН Беларуси по земледелию

Современные подходы к управлению генетической изменчивостью в селекции растений основаны на положениях экологической генетики об особенностях формирования и функционирования адаптивного потенциала высших организмов. В числе таковых должны стать принципиально новые взгляды на роль мутаций и рекомбинаций у ячменя; на генетическую природу структурной организации и функционирование количественных признаков; на растение как интегрированную систему генетических детерминантов ядра и цитоплазмы; роль абиотических и биотических условий внешней среды, выступающих не только в качестве факторов отбора, но и индукторов мутационной и рекомбинационной изменчивости организмов.

Известно, что целостность генома сорта защищена каскадом генетических систем, канализирующих процессы генетической изменчивости и ограничивающих спектр доступных естественному и искусственному отбору рекомбинантов. Другими словами, *status quo* генофонда высших эукариот количественно и качественно поддерживается множеством механизмов. И если роль генетической изменчивости, весьма относительна при естественной эволюции растений, то оказывается существенной в селекции ячменя, когда на создание новых высокопродуктивных сортов с высокими качественными показателями, устойчивых к модификационным факторам среды отводятся, лишь считанные годы

Бесспорно, мы весьма далеки от полного использования той генетической изменчивости, которая обеспечивается за счет традиционных методов селекции. Однако необходимость расширения и качественного изменения спектра доступной отбору генотипической изменчивости стала очевидной и неотложной.

Рекомбинационная селекция обеспечивает непрерывное расширение спектра доступной отбору генетической изменчивости хозяйственно ценных и адаптивно значимых признаков. Для этого широко применяют методы эндогенного и экзогенного индуцирования генетической изменчивости, преодоления половой несовместимости между видами одного семейства, гаметофитного отбора, позволяющего на основе больших популяций пыльцы идентифицировать на искусственных фонах генотипы, функционально эквивалентные искомым спорофитам и современные методы геномной инженерии, в том числе ДНК-технологии (маркер-сопутствующая селекция), позволяющие использовать генетические резервы скрытой мутационной изменчивости в селекционной практике.

В селекции ячменя при выведении новых сортов перспективным является использование молекулярных маркеров (*marker assisted selection*, MAS). Метод MAS применим при селекции различных признаков и свойств. Условием для его использования является знание генетической зависимости признака, локализации соответствующего гена или генов в хромосоме, а также доступность соответствующего маркера. У признаков за которые отвечает один ген, использование MAS очень просто, но в случае с количественными признаками, за которые отвечают несколько генов, складывается совершенно иная ситуация. Было установлено, что гены, определяющие один количественный признак, в большинстве случаев сгруппированы в хромосоме одном или нескольких коротких отрезках, блоках, так называемых локусах количественных признаков (*quantitative trait locus*, QTL). Гены в этих блоках находятся друг с другом в генетической связи и потомству передаются в совокупности, поэтому в этом случае также возможно использование MAS.

В настоящее время уделяется большое внимание методическим подходам, позволяющим использовать MAS в селекции. Были локализованы гены и QTL разных агрономических свойств, урожайности, характера зерна, устойчивости к болезням - мучнистой росе, бурой ржавчине, сетчатой пятнистости, ринхоспориозу, фузариозу и вирусам.

ДНК-маркеров разных признаков и свойств ячменя известно достаточно много, и их число растет. Однако практическое применение ДНК-маркеров в селекции ячменя в большинстве случаев ограничивается для при-

знаков, за которые отвечает один ген. Ограничивающим фактором также являются довольно высокие расходы на оборудование, расходные материалы, реактивы и эксплуатацию соответствующих лабораторий, поэтому использование MAS рентабельно прежде всего для тех признаков, определение которых классическими методами трудоемко и дорого. Преимуществом MAS является возможность его использования уже в первых поколениях и для существенного сокращения цикла обратного скрещивания. Достоинства метода проявляются и в селекции устойчивости к некоторым болезням, таким как фузариоз, сетчатая пятнистость или желтая вирусная карликовость. Однако самую большую проблему составляет тот факт, что локализация найденных QTL действительна в большинстве случаев только для отдельных популяций, и соответствующие маркеры нельзя применить для селекции в других популяциях. Поэтому в настоящее время использование MAS для количественных признаков в практических селекционных программах ограничено. Ограничивающим фактором является и то обстоятельство, что над локализацией генов и выделением маркеров работают, в том числе, и частные исследовательские фирмы и лаборатории, результаты их труда не всегда публикуются или публикуются лишь частично и с опозданием. Когда же найденные маркеры становятся общественным достоянием, то они уже защищены патентом.

В связи с вышеперечисленным, необходимо проводить исследования, направленные на поиск ДНК-маркеров количественных и качественных признаков, определяющих адаптационную способность и устойчивость к инфекционным заболеваниям ячменя, а также, позволяющих использовать скрытый генетический резерв мутационной изменчивости, которая является основой отбора и эволюциодвижущим фактором.